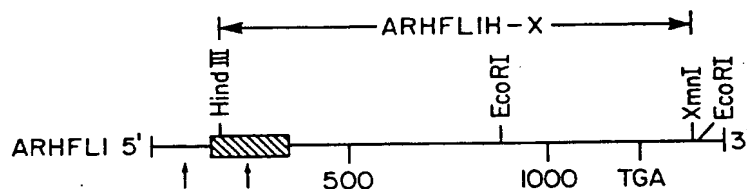


FIGURE 1

A.

Oligo A Complement	5'-ACC	TGT	GAG	GGC	TGT	AAG	GTC	TTC	TTC	AAA	AG-3' (100%)
	**	***	*	*	**	***	***	***	***	***	**
hAR (X)	ACA	TGT	GGA	AGC	TGC	AAG	GTC	TTC	TTC	AAA	AG (84%)
hPR (11)	ACC	TGT	GGG	AGC	TGT	AAG	GTC	TTC	TTT	AAG	AG (88%)
hMR (4)	ACC	TGT	GGC	AGC	TGC	AAA	GTT	TTC	TTC	AAA	AG (81%)
hGR (5)	ACT	TGT	GGA	AGC	TGT	AAA	GTT	TTC	TTC	AAA	AG (81%)
hER (6)	TCC	TGT	GAG	GGC	TGT	AAG	GCC	TTC	TTC	AAG	AG (91%)
hT3R (3, 17)	ACG	TGT	GAA	GGC	TGC	AAG	GGT	TTC	TTT	AGA	AG (78%)
hRAR (17)	GCC	TGT	GAG	GGC	TGC	AAG	GCC	TTC	TTC	CGC	CG (78%)

B.



C.

DNA-Binding Domain

|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|

FIGURE 2

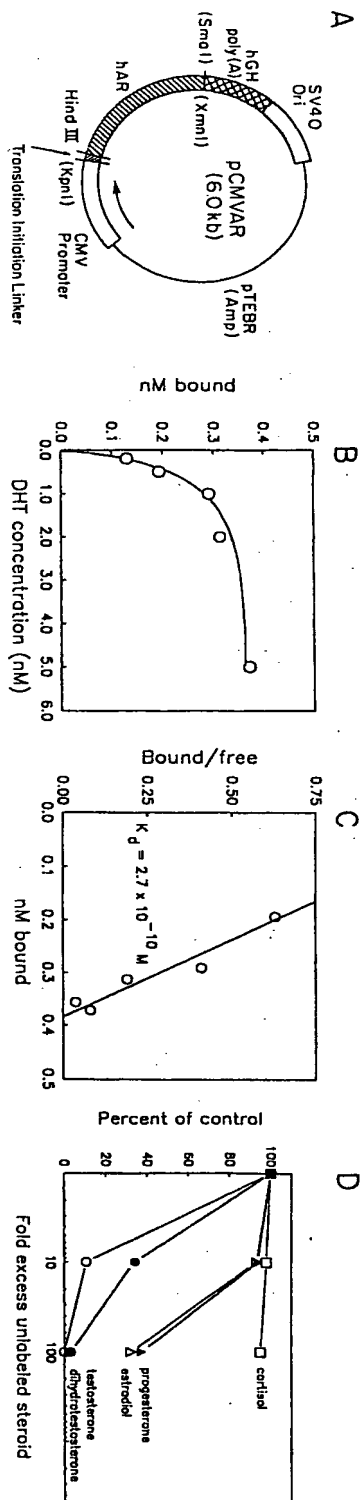
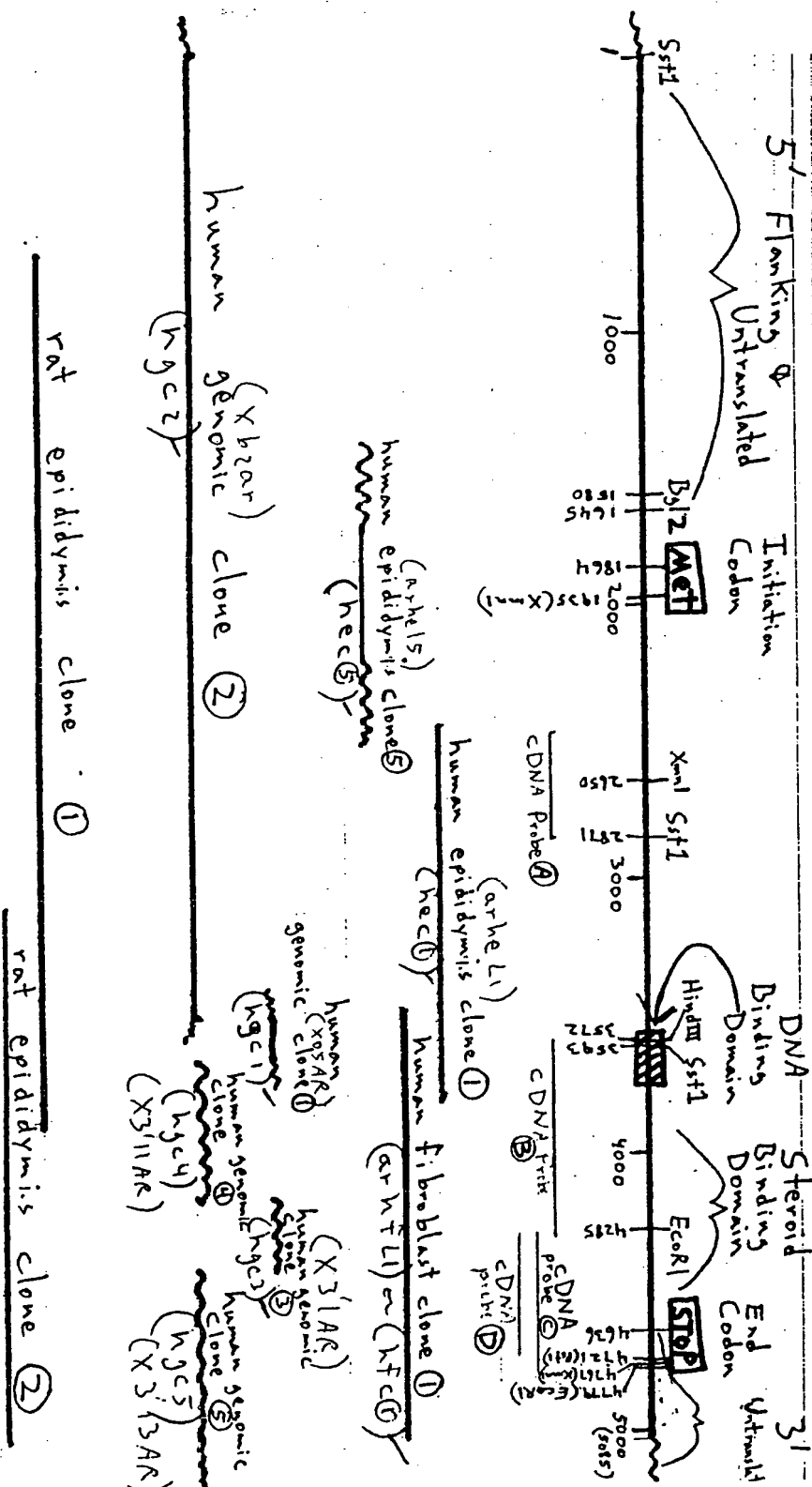


FIGURE 3

Compiled Clone Map of the Human Androgen Receptor



— = Sequenced
 ~ = Unsequenced

10 GAGCTCTGGA CTCGAGACCT	20 CAAAATTGAG GTTTTAACTC	30 CGCCTATGTG GCGGATACAC	40 TACATGGCAA ATGTACCSTT	50 GTGTTTTTAG CACAAAAATC	60 TGTTTTGTGT ACAAACACAC
70 TTTACCTGCT AAATGGACGA	80 TGTCTGGGTG ACAGACCCAC	90 ATTTTGCCTT TAAACGGAA	100 TGAGAGTCTG ACTCTCAGAC	110 GATGAGAAAT CTACTCTTTA	120 GCATGGTTAA CGTACCAATT
130 AGGCAATTCC TCCGTTAAGG	140 AGACAGGAAG TCTGTCCTTC	150 AAAGGCGAGG TTTCCGCTCT	160 AAGAGGGTAG TTCTCCCATC	170 AAATGACCTC TTTACTGGAG	180 TGATTCTTGG ACTAAGAAC
190 GGCTGAGGGT CCGACTCCCA	200 TCCTAGAGCA AGGATCTCGT	210 AATGGCACAA TTACCGTGT	220 TGCCACGAGG ACGGTGCTCC	230 CCCATCTAT GGGCTAGATA	240 CCCTATGACG GGGATACTGC
250 GAACTCTAAG CTTGAGATTG	260 GTTTCAGCAT CAAAGTCGTA	270 CAGCTATCTG GTCGATAGAC	280 CTGGCTTGGT GACCGAACCA	290 CACTGGCTTG GTGACCGAAC	300 CCTCCTCAGT GGAGGAGTCA
310 TTGTAGGAGA AACATCCTCT	320 CTCTCCCACT GAGAGGGTGA	330 CTCCCATCTG GAGGGTAGAC	340 GCGGCTCTTA GCGCGAGAAT	350 TCAGTCCTGA AGTCAGGACT	360 AAAGAACCCN TTTCTTGGGN
370 TGGCNAGCCA ACCGNTCGGT	380 GGAGCNAGGT CCTCGNTCCA	390 ATTGNTATCG TAAGNATAGC	400 TCCTTTTCNT AGGAAAAGNA	410 CCTCCTNGCC GGAGGANCGB	420 TCACCTNGTT AGTGGANCAA
430 GNTTTTTTAG CNAAAATCT	440 TTGGNCTTNG AACCNGAANC	450 NAACCAAATT NTTGGTTTAA	460 TGTATGCTGG ACATACGACC	470 CCTCCAGGAA GGAGGTCTTT	480 ATCTGGAGCC TAGACCTCGG
490 TGCGCGCTAA ACCGGCGATT	500 ACCTTGGTTT TGGAACCAAA	510 AGGAAAGCAG TCCTTTCGTC	520 GAGCTATTCA CTCGATAAGT	530 GGAAGCAGGG CCTTCGTCCT	540 TCCTCCAGGG AGGAGGTCCC
550 CTAGAGCTAG GATCTCGATC	560 CCTCTCCTGC GGAGAGGACG	570 CCTCGCCAC GGAGCGGGTG	580 GTGCGCCAGC CACGCGGTG	590 ACTTGTCTCT TGAACAAAGA	600 CCAAAGCNAC GGTTTCGNTG
610 TAGGCAGGCG ATCCGTCCGC	620 TTAGCGGCGG AATCGCGCGC	630 GTGAGGGGAG CACTCCCTCT	640 GGGAGAAAAG CCCTCTTTTC	650 GAAAGGGGAG CTTTCCCTCT	660 GGGAGGGGAA CCCTCCCTTT
670 AGGAGGTGGG TCCTCCACCC	680 AAGGCAAGGA TTCCGTTTCT	690 GGCCGGCCNG CCGGCCGGNC	700 GTGGGGGCGG CACCCCGCC	710 GACCCGACTC CTGGGCTGAG	720 GCANNAACTG CGTNNTTGAC
730 TTGCATTTGC AACGTAAACG	740 TCTCCACCTC AGAGGTGGAG	750 CCAGCGCCCC GGTCGCGGGG	760 CTCCGAGATC GAGGCTCTAG	770 CCGGGGAGCC GGCCCTCTGG	780 AGCTTGTCTG TCGACGACC
790 GAGAGCGGGA CTCTCGCCCT	800 ACGGTCCGGA TGCCAGGCCT	810 GCAAGCCAG CGTTCGGGTC	820 AGGCAGAGGA TCCGTCTCCT	830 GGCGACAGAG CCGCTGTCTC	840 GGAAAAAGGG CCTTTTTTCC
850 CCCNAGCTAG GGGNTCGATC	860 CCGCTCCAGT GGCGAGGTCA	870 GCTGTACAGN CGACATGTGN	880 AGCCGAAGGA TCGGCTTCTT	890 CGCACCACGC GCGTGGTGGG	900 CAGCCCCAGC GTCGGGGTGC

[illegible]

[illegible]

10	20	30	40	50	60
GAGCTCTGGA	CAAAATTGAG	CGCCTATGTG	TACATGGCAA	GTGTTTTTAG	TGTTTGTGTG
70	80	90	100	110	120
TTTACCTGCT	TGTCTGGGTG	ATTTTGCCCT	TGAGAGTCTG	GATGAGAAAT	GCATGGTTAA
130	140	150	160	170	180
AGGCAATTCC	AGACAGGAAG	AAAGGCAGAG	AAGAGGGTAG	AAATGACCTC	TGATTCTTGG
190	200	210	220	230	240
GGCTGAGGGT	TCCTAGAGCA	AATGGCACAA	TGCCACGAGG	CCCGATCTAT	CCCTATGACG
250	260	270	280	290	300
GAAGTCTAAG	GTTTCAGCAT	CAGCTATCTG	CTGGCTTGGT	CACTGGCTTG	CCTCCTCAGT
310	320	330	340	350	360
TTGTAGGAGA	CTCTCCCACT	CTCCCATCTG	CGCGCTCTTA	TCAGTCCTGA	AAAGAACCCN
370	380	390	400	410	420
TGGCNAGCCA	GGAGCNAGGT	ATTGNTATCG	TCCTTTTCNT	CCTCCTNGCC	TCACCTNGTT
430	440	450	460	470	480
GNTTTTTTGA	TTGGNCTTNG	NAACCAAAAT	TGTATGCTGG	CCTCCAGGAA	ATCTGGAGCC
490	500	510	520	530	540
TGGCGCCTAA	ACCTTGGTTC	AGGAAAGCAG	GAGCTATTCA	GGAAAGCAGG	TCCTCCAGGG
550	560	570	580	590	600
CTAGAGCTAG	CCTCTCCTGC	CCTCGCCAC	GTGCGCCAGC	ACTTGTTTCT	CCAAAGCNAC
610	620	630	640	650	660
TAGGCAGGCG	TTAGCGCGCG	GTGAGGGGAG	GGGAGAAAAG	GAAAGGGGAG	GGGAGGGAAA
670	680	690	700	710	720
AGGAGGTGGG	AAGGCAAGGA	GGCCGGCCNG	GTGGGGGGCG	GACCCGACTC	GCANNAACTG
730	740	750	760	770	780
TTGCATTTGC	TCTCCACCTC	CCAGCGCCCC	CTCCGAGATC	CCGGGGAGCC	AGCTTGCTGG
790	800	810	820	830	840
GAGAGCGGGA	ACGGTCCGGA	GCAAGCCCAG	AGGCAGAGGA	GGCGACAGAG	GGAAAAAGGG
850	860	870	880	890	900
CCCNAGCTAG	CCGCTCCAGT	GCTGTACAGN	AGCCGAAGGA	CGCACCACGC	CAGCCCCAGC
910	920	930	940	950	960
CCGGCTCCAG	CGACAGCNAA	CGCCTCTTGC	ANGCGTTCGA	AGCCGCCGCC	CGGAGCTGCC
970	980	990	1000	1010	1020
CTTTCTCTTT	CGGTGAAGTT	TTTAAAGGCT	GCTAAAGACT	CGGAGGAAGC	AAGGAAGGTG
1030	1040	1050	1060	1070	1080
CCTGGTAGGA	CTGACGGCTG	CCTTTGTCTT	CCTCCTCTCC	ACCCCGCCTC	CCCCCACCCT
1090	1100	1110	1120	1130	1140
GCCTTCCCCC	CCTCCCCCGT	CTTCTCTCCC	GCAGCTGCCT	CAGTCGGCTA	CTCTCAGCCA
1150	1160	1170	1180	1190	1200
ACCCCCCTCA	CCACCCCTTC	CCCCACCCGC	CCCCCCGCC	CCGTCGGCCC	AGCGNTGNCA
1210	1220	1230	1240	1250	1260
GNCCGAGTTT	GCAGAGAGGT	AACTCCCTTT	AGCTGCGAGC	GGGCGAGNCT	AGCTGCACAT

Table 1		Table 2		Table 3		Table 4		Table 5		Table 6		Table 7		Table 8		Table 9		Table 10		Table 11		Table 12		Table 13		Table 14		Table 15		Table 16		Table 17		Table 18		Table 19		Table 20		Table 21		Table 22		Table 23		Table 24		Table 25		Table 26		Table 27		Table 28		Table 29		Table 30		Table 31		Table 32		Table 33		Table 34		Table 35		Table 36		Table 37		Table 38		Table 39		Table 40		Table 41		Table 42		Table 43		Table 44		Table 45		Table 46		Table 47		Table 48		Table 49		Table 50		Table 51		Table 52		Table 53		Table 54		Table 55		Table 56		Table 57		Table 58		Table 59		Table 60		Table 61		Table 62		Table 63		Table 64		Table 65		Table 66		Table 67		Table 68		Table 69		Table 70		Table 71		Table 72		Table 73		Table 74		Table 75		Table 76		Table 77		Table 78		Table 79		Table 80		Table 81		Table 82		Table 83		Table 84		Table 85		Table 86		Table 87		Table 88		Table 89		Table 90		Table 91		Table 92		Table 93		Table 94		Table 95		Table 96		Table 97		Table 98		Table 99		Table 100		Table 101		Table 102		Table 103		Table 104		Table 105		Table 106		Table 107		Table 108		Table 109		Table 110		Table 111		Table 112		Table 113		Table 114		Table 115		Table 116		Table 117		Table 118		Table 119		Table 120		Table 121		Table 122		Table 123		Table 124		Table 125		Table 126		Table 127		Table 128		Table 129		Table 130		Table 131		Table 132		Table 133		Table 134		Table 135		Table 136		Table 137		Table 138		Table 139		Table 140		Table 141		Table 142		Table 143		Table 144		Table 145		Table 146		Table 147		Table 148		Table 149		Table 150		Table 151		Table 152		Table 153		Table 154		Table 155		Table 156		Table 157		Table 158		Table 159		Table 160		Table 161		Table 162		Table 163		Table 164		Table 165		Table 166		Table 167		Table 168		Table 169		Table 170		Table 171		Table 172		Table 173		Table 174		Table 175		Table 176		Table 177		Table 178		Table 179		Table 180		Table 181		Table 182		Table 183		Table 184		Table 185		Table 186		Table 187		Table 188		Table 189		Table 190		Table 191		Table 192		Table 193		Table 194		Table 195		Table 196		Table 197		Table 198		Table 199		Table 200		Table 201		Table 202		Table 203		Table 204		Table 205		Table 206		Table 207		Table 208		Table 209		Table 210		Table 211		Table 212		Table 213		Table 214		Table 215		Table 216		Table 217		Table 218		Table 219		Table 220		Table 221		Table 222		Table 223		Table 224		Table 225		Table 226		Table 227		Table 228		Table 229		Table 230		Table 231		Table 232		Table 233		Table 234		Table 235		Table 236		Table 237		Table 238		Table 239		Table 240		Table 241		Table 242		Table 243		Table 244		Table 245		Table 246		Table 247		Table 248		Table 249		Table 250		Table 251		Table 252		Table 253		Table 254		Table 255		Table 256		Table 257		Table 258		Table 259		Table 260		Table 261		Table 262		Table 263		Table 264		Table 265		Table 266		Table 267		Table 268		Table 269		Table 270		Table 271		Table 272		Table 273		Table 274		Table 275		Table 276		Table 277		Table 278		Table 279		Table 280		Table 281		Table 282		Table 283		Table 284		Table 285		Table 286		Table 287		Table 288		Table 289		Table 290		Table 291		Table 292		Table 293		Table 294		Table 295		Table 296		Table 297		Table 298		Table 299		Table	
---------	--	---------	--	---------	--	---------	--	---------	--	---------	--	---------	--	---------	--	---------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-------	--

	1890																1950		
658	ATG	GAA	GTG	CAG	TTA	GGG	CTG	GGG	AGG	GTC	TAC	CGT	CGG	CCG	CCG	TCC	AAG	ACC	TAC
	Met	Glu	Val	Gln	Leu	Gly	Leu	Gly	Arg	Val	Tyr	Pro	Arg	Pro	Pro	Ser	Lys	Thr	Tyr

1950														1950					
CGA	GGA	GCT	TTC	CAG	AAT	CTG	TTC	CAG	AGC	GTG	CGC	GAA	GTG	ATC	CAG	AAC	CCG	GGC	CCC
Arg	Gly	Ala	Phe	Gln	Asn	Leu	Phe	Gln	Ser	Val	Arg	Glu	Val	Ile	Gln	Asn	Pro	Gly	Pro

2010 2040

AGS CAC CCA GAG GCG GCG AGC GCAGCCT CCT CCC GGC GCG AGT TTG CTG CTG CTG CAG CAG
Arg His Pro Glu Ala Ala Ser Ala Ala Pro Pro Gly Ala Ser Leu Leu Leu Leu Gln Gln

[illegible]

2130 2160

CAG CAG CAA GAG ACT ABC CCC ASG CAG CAG CAG CAG CAG CAG GGT GAG GAT GGT TCT CCC
Gln Gln Gln Glu Thr Ser Pro Arg Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gly Glu Asp Gly Ser Pro

2190 2220
CAA GCC CAT CGT AGA GGC CCC ACA GGC TAC CTG GTC CTG GAT GAG GAA CAG CAA CCT TCA
Gln Ala His Arg Arg Gly Pro Thr Gly Tyr Leu Val Leu Asp Glu Glu Gln Gln Pro Ser

2250 2280
CAG CCG CAG TCG GCC CTG GAG TGC CAC CCC GAG AGA GGT TGC GTC CCA GAG CCT GGA GCC
Gln Pro Gln Ser Ala Leu Glu Cys His Pro Glu Arg Gly Cys Val Pro Glu Pro Gly Ala

2310 2340

GCC GTG GCC GCC AGC AAG GGG CTG CCG CAG CAG CTG CCA GCA CCT CCG GAC GAG GAT GAC
Ala Val Ala Ala Ser Lys Gly Leu Pro Gln Gln Leu Pro Ala Pro Pro Asp Glu Asp Asp

FIGURE 5 (page 3 of 5)

2370 2400
TCA GCT GCG GCA TCC AGG TTG TCC CTG CTG GGC CCC ACT TTC CCC GGC TTA AGC AGC TGC
Ser Ala Ala Phe Ser Thr Leu Ser Leu Leu Gly Pro Thr Phe Pro Gly Leu Ser Ser Cys

2430 2460
TCA GCT GAC CTT AGA GAC ATC CTG AGC GAG GCC AGC ACC ATG CAA CTC CTT CAG CAA CAG
Ser Ala Asp Leu Lys Asp Ile Leu Ser Glu Ala Ser Thr Met Gln Leu Leu Gln Gln Gln

2490 2520
GAG CAG GAG GCA GAG TCC GAG GCG AGC AGC AGC GGG AGA GCG AGG GAG GCC TCG GGG GCT
Gln Gln Glu Ala Val Ser Glu Gly Ser Ser Ser Gly Arg Ala Arg Glu Ala Ser Gly Ala

2550 2580
TTC ACT TCC TCC AAG GAC AAT TAC TTA GGG GGC ACT TCG ACC ATT TCT GAC AAC GCC AAG
Phe Thr Ser Ser Lys Asp Asn Tyr Leu Gly Gly Thr Ser Thr Ile Ser Asp Asn Ala Lys

2610 2640
GAG TTT TGT AAG GCA GTG TTG GTG TCC ATG GGC CTG GGT GTG GAG GCG TTG GAG CAT CTG
Glu Leu Lys Lys Ala Val Ser Val Ser Met Gly Leu Gly Val Glu Ala Leu Glu His Leu

2670 2700
AGT CCA GGG GAA CAG CTT CGG GGG GAT TGC ATG TAC GCC CCA CTT TTG GGA GTT CCA CCC
Ser Pro Gly Glu Gln Leu Arg Gly Asp Cys Met Tyr Ala Pro Leu Leu Gly Val Pro Pro

2730 2760
GCT GTG GCT CCC ACT CCT TGT GCG CCA TTG GCG GAA TGC AAA GGT TCT CTG CTA GAC GAC
Ala Val Ala Pro Thr Pro Cys Ala Pro Leu Ala Glu Cys Lys Gly Ser Leu Leu Asp Asp

2790 2820
ATC GCA GGC AAG AGC ACT GAA GAT ACT GCT GAG TAT TCC CCT TTC AAG GGA GGT TAC ACC
Ser Ala Gly Lys Ser Thr Glu Asp Thr Ala Glu Tyr Ser Pro Phe Lys Gly Gly Tyr Thr

2850 2880
AGA GGG CTA GAA GGT GAG AGC CTA GGC TGC TCT GGC AGC GCT GCA GCA GGG AGC TCC GGG
Lys Gly Leu Glu Gly Glu Ser Leu Gly Cys Ser Gly Ser Ala Ala Ala Gly Ser Ser Gly

2910 2940
AGA TTT GAA CTG CCG TCT ACC CTG TCT CTG TAC AAG TCC GGA GCA CTG GAC GAG GCA GCT
Thr Leu Glu Leu Pro Ser Thr Leu Ser Leu Tyr Lys Ser Gly Ala Leu Asp Glu Ala Ala

2970 3000
GCG TAC CAG AGT GCG GAC TAC TAC AAC TTT CCA CTG GCT CTG GCC GGA CCG CCG CCC CCT
Ala Tyr Gln Ser Arg Asp Tyr Tyr Asn Phe Pro Leu Ala Leu Ala Gly Pro Pro Pro Pro

3030 3060
CCG CCG CCT CCC CAT CCC CAC GCT CGC ATC AAG CTG GAG AAC CCG CTG GAC TAC GGC AGC
Pro Pro Pro Pro His Pro His Ala Arg Ile Lys Leu Glu Asn Pro Leu Asp Tyr Gly Ser

3090 3120
GCG TGG GCG GCT GCG GCG GCG CAG TGC GCT GCG GCG GAG CTG GCG AGC CTG CAT GGC GCG
Ala Trp Ala Ala Ala Ala Ala Gln Cys Arg Tyr Gly Asp Leu Ala Ser Leu His Gly Ala

3150 3180
GGT GCA GCG GGA CCC GGT TCT GGG TCA CCC TCA GCC GCC GCT TCC TCA TCC TGG CAC ACT
Gly Ala Ala Gly Pro Gly Ser Gly Ser Pro Ser Ala Ala Ala Ser Ser Ser Trp His Thr

3210 3240
CTC TTC ACA GCG GAA GAA GGC CAG TTG TAT GGA CCG TGT GGT GGT GGT GGG GGT GGT GGC
Leu Phe Thr Ala Glu Glu Gly Gln Leu Tyr Gly Pro Cys Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

00407622-020300

[illegible]

3270																		3300	
GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GGC	GAG	GCG	GGA	
Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Gly	
3330																		3360	
GCT	GTA	GCC	CCC	TAC	GGC	TAC	ACT	CGG	CCC	CCT	CAG	GGG	CTG	GCG	GGC	CAG	GAA	AGC	GAC
Ala	Val	Ala	Pro	Tyr	Gly	Tyr	Thr	Arg	Pro	Pro	Gln	Gly	Leu	Ala	Gly	Gln	Glu	Ser	Asp
3390																		3420	
TTC	ACC	GCA	CCT	GAT	GTG	TGG	TAC	CCT	GGC	GGC	ATG	GTG	AGC	AGA	GTG	CCC	TAT	CCC	AGT
Phe	Thr	Ala	Pro	Asp	Val	Trp	Tyr	Pro	Gly	Gly	Met	Val	Ser	Arg	Val	Pro	Tyr	Pro	Ser
3450																		3480	
CCC	ACT	TGT	GTG	AAA	AGC	GAA	ATG	GGC	CCC	TGG	ATG	GAT	AGC	TAC	TCC	CGG	GAA	CCT	TAC
Pro	Thr	Cys	Val	Lys	Ser	Glu	Met	Gly	Pro	Trp	Met	Asp	Ser	Tyr	Ser	Arg	Glu	Pro	Tyr
3510																		3540	
GGG	GAC	ATG	CGT	TTG	GAG	ACT	GCC	AGG	GAC	CAT	GTT	TTG	CCC	ATT	GAC	TAT	TAC	TTT	CCA
Gly	Asp	Met	Arg	Leu	Glu	Thr	Ala	Arg	Asp	His	Val	Leu	Pro	Ile	Asp	Tyr	Tyr	Phe	Pro
3570																		3600	
CCC	CAG	AAG	ACC	TGC	CTG	ATC	TGT	GGG	GAT	GAA	GCT	TCT	GGG	TGT	CAC	TAT	GGG	GCT	CTC
Pro	Gln	Lys	Thr	Cys	Leu	Ile	Cys	Gly	Asp	Glu	Ala	Ser	Gly	Cys	His	Tyr	Gly	Ala	Leu
3630																		3660	
ACA	TGT	GGG	AGC	TGC	AAG	GTG	TTC	TTC	AAA	AGA	GCC	GCT	GAA	GGG	AAA	CAG	AAG	TAC	CTG
Thr	Cys	Gly	Ser	Cys	Lys	Val	Phe	Phe	Lys	Arg	Ala	Ala	Glu	Gly	Lys	Gln	Lys	Tyr	Leu
3690																		3720	
TGC	GCC	AGC	AGA	AAT	GAT	TGC	ACT	ATT	GAT	AAA	TTC	CGA	AGG	AAA	AAT	TGT	CCA	TCT	TGT
Cys	Ala	Ser	Arg	Asn	Asp	Cys	Thr	Ile	Asp	Lys	Phe	Arg	Arg	Lys	Asn	Cys	Pro	Ser	Cys
3750																		3780	
CGT	CTT	CGG	AAA	TGT	TAT	GAA	GCA	GGG	ATG	ACT	CTG	GGG	GCC	CGG	AAG	CTG	AAG	AAA	CTT
Arg	Leu	Arg	Lys	Cys	Tyr	Glu	Ala	Gly	Met	Thr	Leu	Gly	Ala	Arg	Lys	Leu	Lys	Lys	Leu
3810																		3840	
GGT	AAT	CTG	AAA	CTA	CAG	GAG	GAA	GGG	GAG	GCT	TCC	AGC	ACC	ACC	AGC	CCC	ACT	GAG	GAG
Gly	Asn	Leu	Lys	Leu	Gln	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Ser	Ser	Thr	Thr	Ser	Pro	Thr	Glu	Glu
3870																		3900	
ACA	ACC	CAG	AAG	CTG	ACA	GTG	TCA	CAC	ATT	GAA	GGC	TAT	GAA	TGT	CAG	CCC	ATC	TTT	CTG
Thr	Thr	Gln	Lys	Leu	Thr	Val	Ser	His	Ile	Glu	Gly	Tyr	Glu	Cys	Gln	Pro	Ile	Phe	Leu
3930																		3960	
AAT	GTG	CTG	GAA	GCC	ATT	GAG	CCA	GGT	GTA	GTG	TGT	GCT	GGG	CAC	GAC	AAC	AAC	CAG	CCC
Asn	Val	Leu	Glu	Ala	Ile	Glu	Pro	Gly	Val	Val	Cys	Ala	Gly	His	Asp	Asn	Asn	Gln	Pro
3990																		4020	
GAC	TCC	TTT	GCA	GCC	TTG	CTC	TCT	AGC	CTC	AAT	GAA	CTG	GGG	GAG	AGA	CAG	CTT	GTA	CAC
Asp	Ser	Phe	Ala	Ala	Leu	Leu	Ser	Ser	Leu	Asn	Glu	Leu	Gly	Glu	Arg	Gln	Leu	Val	His
4050																		4080	
GTG	GTG	AAG	TGG	GCC	AAG	GGC	TTG	CCT	GGC	TTC	CGC	AAC	TTA	CAC	GTG	GAC	GAC	CAG	ATG
Val</																			

FIGURE 5 (page 5 of 5)

4170 4200
ACC AAT GTC AAC TCC AGG ATG CTC TAC TTC GCC CCT GAT CTG GTT TTC AAT GAG TAC CGC
Thr Asn Val Asn Ser Arg Met Leu Tyr Phe Ala Pro Asp Leu Val Phe Asn Glu Tyr Arg

4230 4260
ATG CAC AAG TCC CGG ATG TAC AGC CAG TGT GTC CGA ATG AGG CAC CTC TCT CAA GAG TTT
Met His Lys Ser Arg Met Tyr Ser Gln Cys Val Arg Met Arg His Leu Ser Gln Glu Phe

4290 4320
GGA TGG CTC CAA ATC ACC CCC CAG GAA TTC CTG TGC ATG AAA GCA CTG CTA CTC TTC AGC
Gly Trp Leu Gln Ile Thr Pro Gln Glu Phe Leu Cys Met Lys Ala Leu Leu Leu Phe Ser

4350 4380
ATT ATT CCA GTG GAT GGG CTG AAA AAT CAA AAA TTC TTT GAT GAA CTT CGA ATG AAC TAC
Ile Ile Pro Val Asp Gly Leu Lys Asn Gln Lys Phe Phe Asp Glu Leu Arg Met Asn Tyr

4410 4440
ATC AAG GAA CTC GAT CGT ATC ATT GCA TGC AAA AGA AAA AAT CCC ACA TCC TGC TCA AGA
Ile Lys Glu Leu Asp Arg Ile Ile Ala Cys Lys Arg Lys Asn Pro Thr Ser Cys Ser Arg

4470 4500
CGC TTC TAC CAG CTC ACC AAG CTC CTG GAC TCC GTG CAG CCT ATT GCG AGA GAG CTG CAT
Arg Phe Tyr Gln Leu Thr Lys Leu Leu Asp Ser Val Gln Pro Ile Ala Arg Glu Leu His

4530 4560
CAG TTC ACT TTT GAC CTG CTA ATC AAG TCA CAC ATG GTG AGC GTG GAC TTT CCG GAA ATG
Gln Phe Thr Phe Asp Leu Leu Ile Lys Ser His Met Val Ser Val Asp Phe Pro Glu Met

4590 4620
ATG GCA GAG ATC ATC TCT GTG CAA GTG CCC AAG ATC CTT TCT GGG AAA GTC AAG CCC ATC
Met Ala Glu Ile Ile Ser Val Gln Val Pro Lys Ile Leu Ser Gly Lys Val Lys Pro Ile

4650 4680
TAT TTC CAC ACC CAG TGA AGC ATT GGA AAC CCT ATT TCC CCA CCC CAG CTC ATG CCC CCT
Tyr Phe His Thr Gln End

4690 4700 4710 4720 4730 4740
TTCAGATGTC TTCTGCCTGT TATAACTCTG CACTACTCCT CTGCAGTGCC TTGGGGGAATT

4750 4760 4770 4780 4790 4800
TCCTCTATTG ATGTACAGTC TGTCATGAAC ATGTTCTCTGA ATTCTATTTG CTGGGCTTTT

4810 4820 4830 4840 4850 4860
TTTTTCTCTT TCTCTCCTTT CTTTTTCTTC TTCCCTCCCT ATCTAACCCT CCCATGGCAC

4870 4880 4890 4900 4910 4920
CTTCAGACTT TGCTTCCCAT TGTGGCTCCT ATCTGTGTTT TGAATGGTGT TGTATGCCTT

4930 4940 4950 4960 4970 4980
TAAATCTGTG ATGATCCTCA TATGGCCCAAG TGTCAAGTTG TGCTTGTTTA CAGCACTACT

4990 5000 5010 5020 5030 5040
CTGTGCCAGC CACACAAACG TTTACTTATC TTATGCCACG GGAAGTTTAG AGAGCTAAGA

5050 5060 5070 5080
TTATCTGGGG AAATCAAAC AAAAAACAAG CAAACAAAA AAAAA

000000-000000-000000

[illegible]

10 20 30 40 50 60
AATTCCGGGAAGGATCGAGCAAAACGAGGAAGATGAGGATGGAGATCCCTAGGAGAGTGTCCA

70 80 90 100 110 120
TGCCCTCGAAAGGAGGCCCAACCAAGATGAAGCTGTTGCATTTGCTTTCCACCTCCCAGCGCC

130 140 150 160 170 180
CCCTCGAGATCCCTAGGAGCCCAECCTGCTGGGAGAACCCAGAGGGTCCGGAGCAAAACCTG

190 200 210 220 230 240
GAGGCTGAGAGGGGCATCAGAGGGGAAAAGACTGAGTTAGCCACTCCAGTGCCATACAGAA

250 260 270 280 290 300
GCTTAAGGAGACATACCACGCCAGGCCCCAGCCAGCGACAGCCCAAGGCCTGTTGCAGAGCG

310 320 330 340 350 360
GCGGCTTCGAGAGCCGCCGCCAGAGGCTGCCCTTTCTCTTCGGTGAATTCTTCTAAAGC

370 380 390 400 410 420
TGCGGAGACTCGGAGGAGGAGGAAAGTGTCCGGTAGGACTACGACTGCCCTTTGTCTCT

430 440 450 460 470 480
CCTCCCTCCTACCCCTACCCCTCCTGGGTCCCTCTCCCTGAGCGGACTAGGCAGGCTTC

490 500 510 520 530 540
CTGGCCAGCCCTCTCCCTACACCACCAAGCTCTGCCAGCCAGTTTGCACAGAGGTAAGTCT

550 560 570 580 590 600
CCTTTGGCTGAAAGCAGACGAGCTTGTGCCCCATTGGAAGGGAGGCTTTTGGGAGCCDAG

610 620 630 640 650 660
AGACTGAGGAGCAACAGCAGCTGGAGAGTCCCTGATTCCAGGTTCTCCCCCCTGCACCT

670 680 690 700 710 720
CCTACTGCCCCCCCCCTACCCCTGTGTGTGCAGCTAGAAATTGAAAAGATGAAAAGACAGTT

730 740 750 760 770 780
GGGGCTTCAGTAGTCCGAAAGCAAAACAAAAGCAAAAGCAAAACAAAAGCAAAATAGCCCA

790 800 810 820 830 840
GTTCTTATTTGCACCTGCTTCAGTGACATTGACTTTGGAAGGCGAGAGAAATTTCTCTCC

850 860 870 880 890 900
CCCGAGTCAAGCTTTGAGCATCTTTTAATCTGTTCTTCAAGTATTTAGGGACAAACTGTG

41

THE UNIVERSITY OF CHICAGO

[illegible]

1. The first group of people who are interested in the study of the history of the United States are the people who are interested in the history of the United States.

3610	3620	3630	3640	3650	3660
TGCAAAAGGAAAAAATCCACATCCTGCTCAAGGGCGCTTCTACCCAGCTCACCAGGCTCCTG					
CysLysArgLysAsnProThrSerCysSerArgArgPheTyrGlnLeuThrLysLeuLeu					
3670	3680	3690	3700	3710	3720
GATTCTGTGCAAGCCTATTGCAAGAGAGCTGCATCAATTCACTTTTGCACCTGCTAATCAAG					
AspSerValGlnProIleAlaArgGluLeuHisGlnPheThrPheAspLeuLeuIleLys					
3730	3740	3750	3760	3770	3780
TCCCATATGGTGGAGCGTGGACTTTTCCTGAAATGATGECAGAGATCATCTCTGTGCAAGTG					
SerHisMetValSerValAspPheProGluMetMetAlaGluIleIleSerValGlnVal					
3790	3800	3810	3820	3830	3840
CCCAGATCCTTTCTGGGAAAGTCAGCCCATGATTTCCACACACAGTGAGGATTTGGAA					
ProLysIleLeuSerGlyLysValSerProCysIleSerThrHisSerGluAspLeuGlu					
3850	3860	3870	3880	3890	3900
CCTAATACCCAAACCCACCTGTTCCCTTTTCAGATGCTTCTGCGCTGTTATATAACTCTG					
ProAsnThrGlnThrHisLeuPheProPheGlnMetSerSerAlaCysTyrIleThrLeu					
3910	3920	3930	3940	3950	3960
CCTACTTCTCTGGCATGGGCGCTTGGGGGAAATTCCCTCTACTGATGTACAGTCTGTGATG					
HisTyrPheSerGlyMetGlyLeuGlyGlyAsnSerSerThrAspValGlnSerValMet					
3970	3980	3990	4000	4010	4020
AACATGTTCCCCAGTTCCTATTTCCCTGGGCTTTTCCCTTCTTTTCTTTTCTTCTCTGCG					
AsnMetPheProLysPheTyrPheLeuGlyPheSerPhePheLeuPheLeuLeuLeuCys					
4030	4040	4050	4060	4070	4080
CTCTTTTACCCCTCCCATGGGCACATTTTGAATCCGCTGCGTGTGTTGTGGCTCCTGCGCTGTGT					
LeuPheTyrProProMetAlaHisPheGluSerAlaAlaCysCysGlySerCysLeuCys					
4090	4100	4110	4120	4130	4140
TTTGAATTTTGTGATTTTCTTCAAGTCTGTGATGATCTTCTTGTGSCCCAGTGTCAACT					
PheGluPheCysCysIleSerSerSerLeuEnd					
4150	4160	4170	4180	4190	4200
GTGCTTGTTTATAGCACTGTGCTGTGTGCCAACCAAGCAAAATGTTTACTCACCTTATGCC					
4210	4220	4230	4240	4250	4260
ATGGCAAGTTTAGAGAGCTATAAGTATCTTGGGAAGAAACAAACAGAGAGAGATAAAAAAA					
4270	4280				
CCAGAAAAAAGAAAAAAGAACCGAATTC					

FIGURE 7

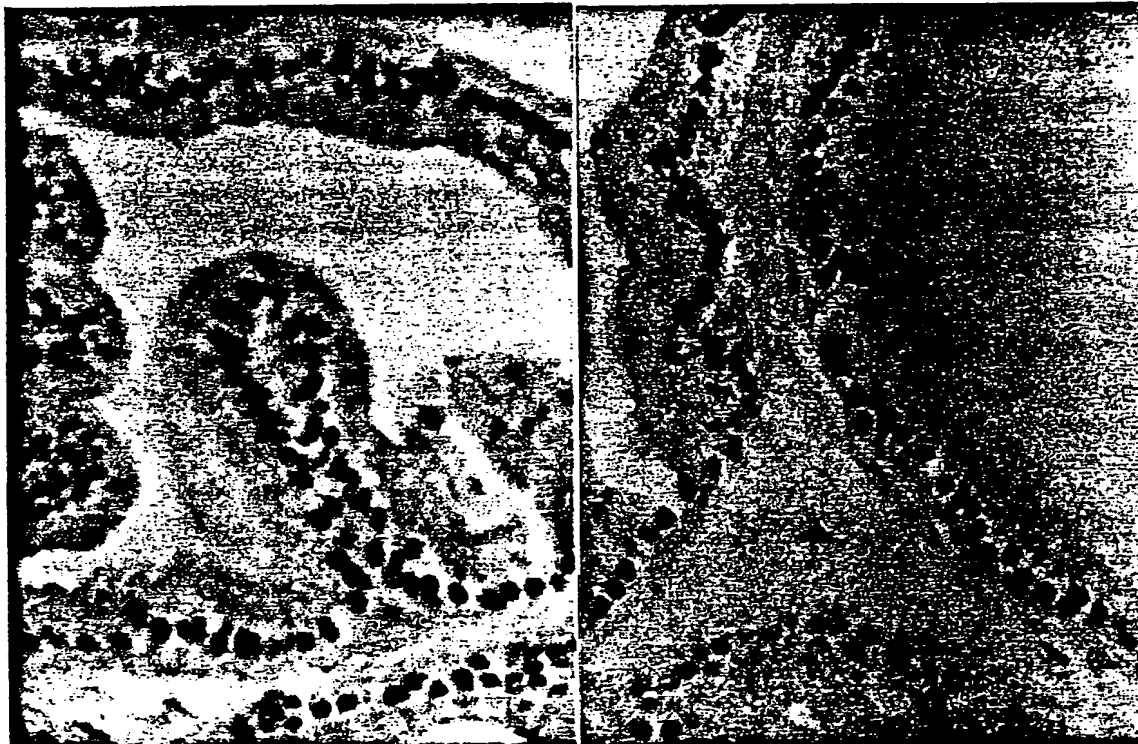


Figure 7. Frozen section of rat ventral prostate stained with antibodies (AR-52-3-p) to the AR peptide $\text{NH}_2\text{-Asp-His-Val-Leu-Pro-Ile-Asp-Tyr-Tyr-Phe-Pro-Pro-Gln-Lys-Thr}$ in a dilution of 1 to 3000 using the avidin-biotin peroxidase technique. Androgen receptor is indicated by brown staining of nuclei in epithelial cells. Immuno-staining was performed as previously described (60).

FIGURE 8

Restriction Fragment Length Polymorphism in the Human Androgen Receptor Gene

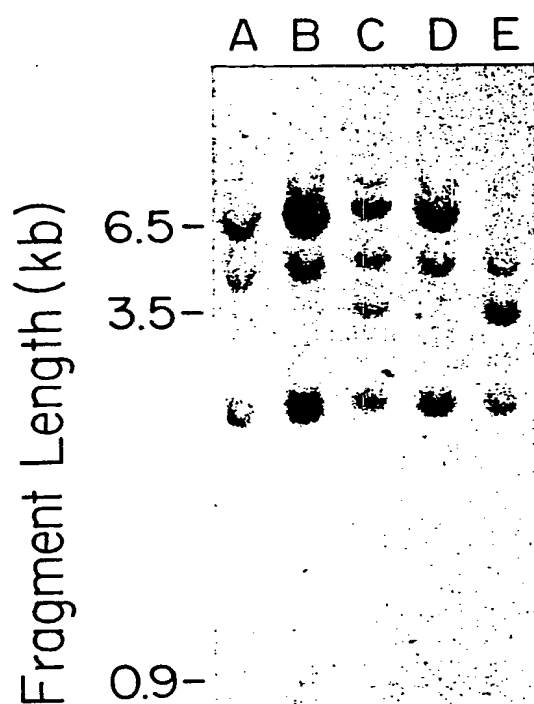


FIGURE 9

**Southern Blot Analysis of
Complete Androgen Insensitivity
Syndrome Patients**

